

Figure 1

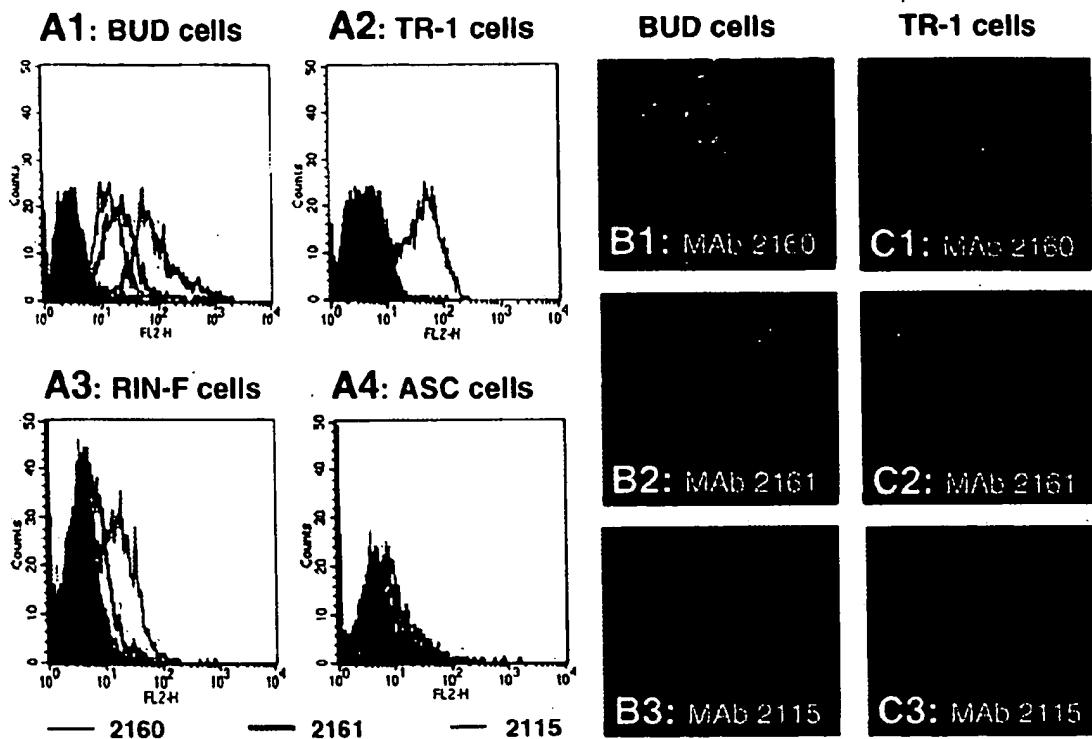


Figure 2

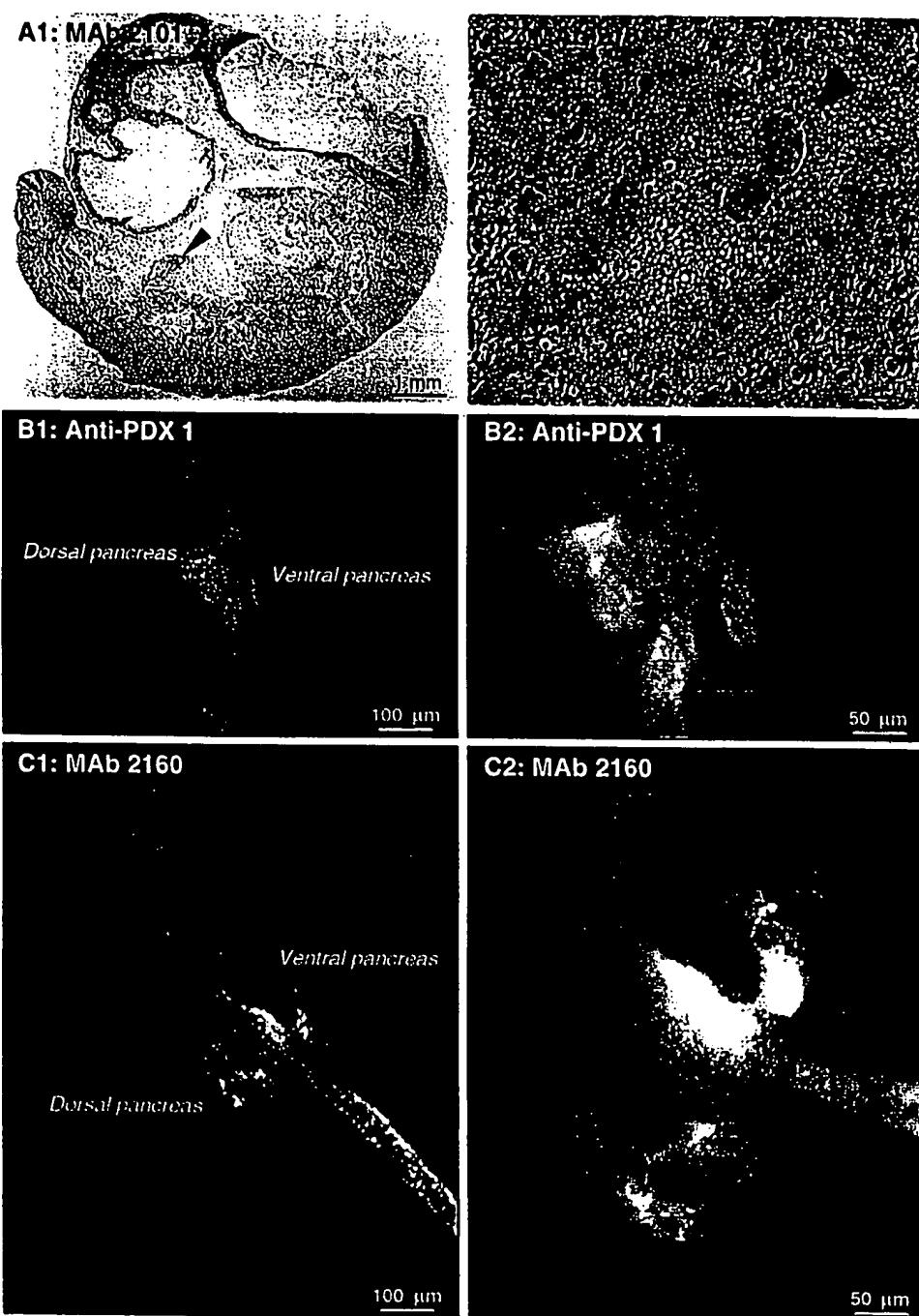


Figure 3

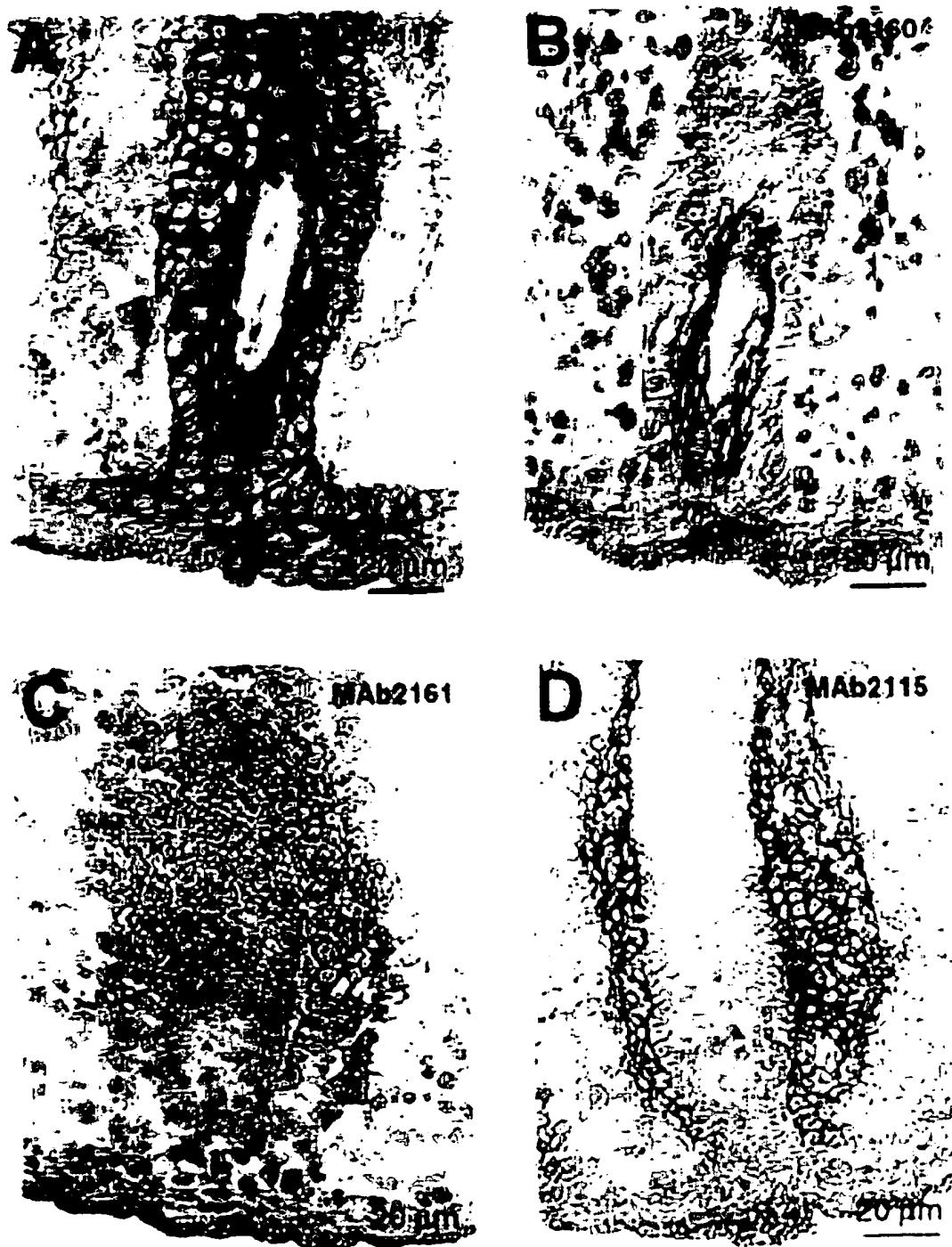


Figure 4

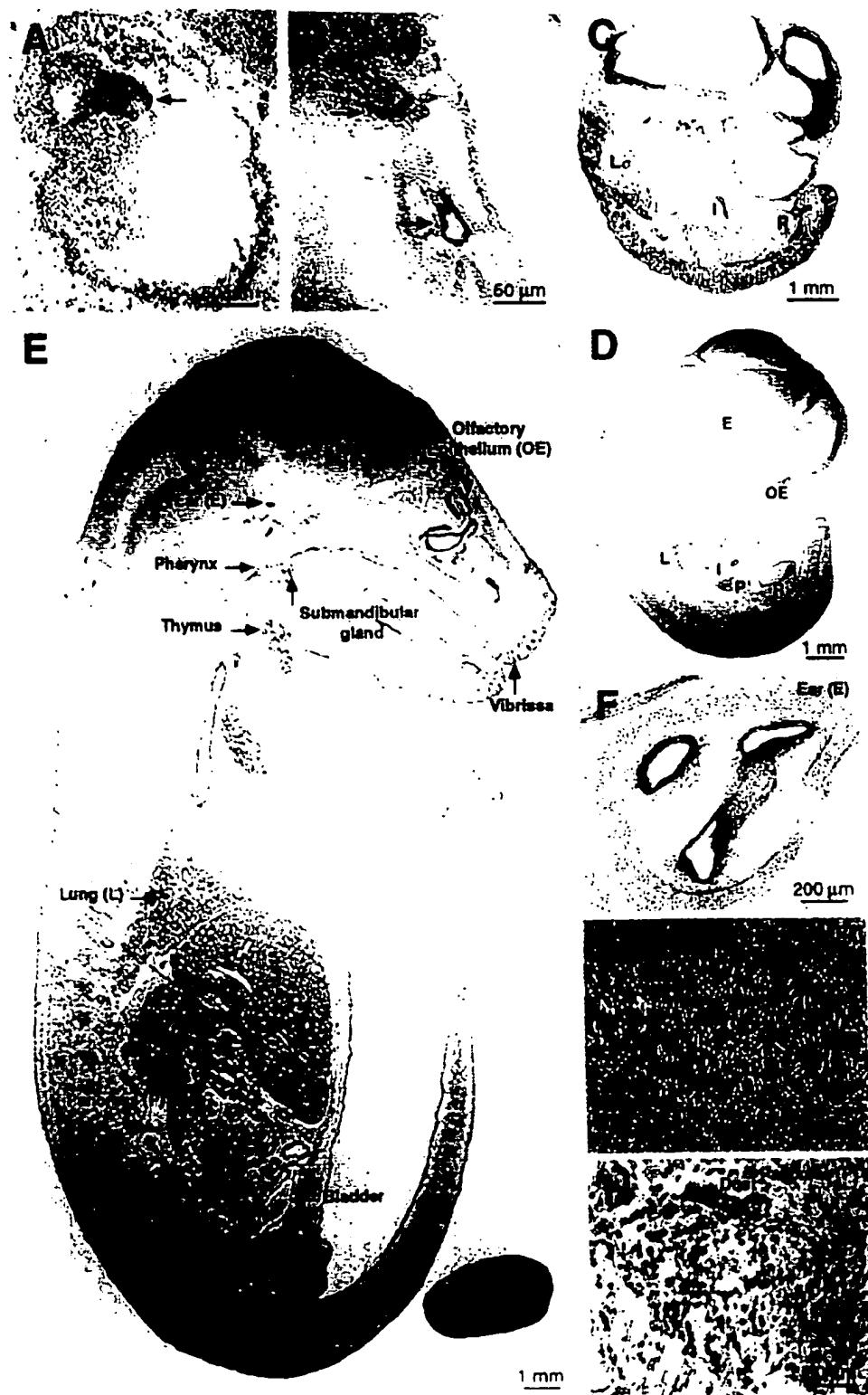


Figure 5

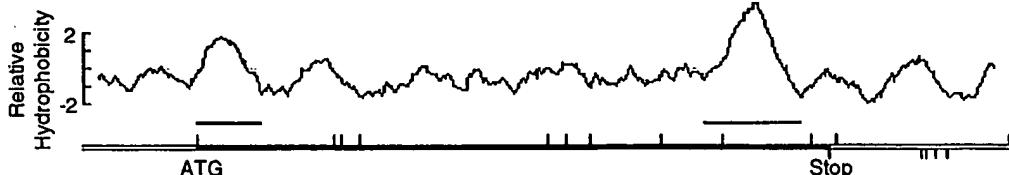
Title: COMPOSITIONS AND METHODS FOR GENERATING MONOCLONAL ANTIBODIES REPRESENTATIVE OF A SPECIFIC CELL TYPE

Sheet 6 of 11

A

CTCTAGAGATCCCTCGACCTCGACCCACGGCTC 35
 CGCCGCAGAGGCGCTCACTGGTGGCCCCCGGTGACCGCGACTGTCCCCTGGACCCGCTCCGCGGCTCACAGCCCGCAGTCAGCCCGCTCCGGCGCAGT 135
 ATGCCGCCCTCCAAGGGCCCTCCGCTTCGGGCTCTCCGGCTCACGGCAGCTGGCCAGCTAGAGAAAGACTGTGCTCTGAAACAACTAACAGC 235
 1 K A P P K A L A F G L L L A V T A T L A A A Q K D C V C N N Y K L
 TGACGTCACGGTGCTATGAGAATGAGAATGGTGAATGCCAGTGACTTCTCTATGGGACACAAAATACTGTCTATGGCTCAAACGGCTCCAAACTGGCATCCAACTGGCTT 335
 35 T S R C Y E N E N G E C Q C T S Y G T Q N T V I C S K L A S K C L
 GGTGATGAGCCGGAGATGACTCACAGCAACTCTGGGAGGGAGTGAACCCGGAGGGGGCATCCAGAACACAGCAGGTCTGTTATGATCCCGAGTGAC 435
 68 G H K A E M T H S K S R R M K P E G A I Q N N D G L Y D P E C D
 GAGCCAGCGCTCTCAAGGCAAGCAGTGCACAGCGAACCCGACCGGACCGGACCGTCTGGCTGACACCCCGGTTGGCGAGAACCCACAGGACACGGAGATCA 535
 101 E O G L F K A K Q C N G T A T C C W C V N T A G V V R R T D K D T E I T
 CCTGTCCTGGAGAGACTGGAGGACTACTGGATCATCATGGCTCAACACAAAGAACAGGACACGGCTTAAATCTGGAGAGTTTGCTACACTGCACCTCA 635
 135 C S E R V R T Y W I T E I L K H K P E R A Q P Y N F E S L H T A L Q
 GGACACATTTCGATCTGATACATGGCTGAATCCGAATTATTCAGAATTCAGGAAATTATTCAGAATTCAGGAAATAATGGTATCATCTATTGATTGATGCAAAACTCT 735
 168 D T F A S R Y H L N P K F I K S I H Y E N N V I T D L H O N S S
 CAGAGACTCAAGATGATCTGGACATAGCTGATCTGGCTTACTATTTCAGAAAAGATGTAAGGGGGAGTCTTGTCCATTCTACAGGAGCATGGACC 835
 201 Q K T Q B D D V D T A D V A Y Y F E K R V K G E S S L F H S S K S H D L
 TGAGGGTGACGGGGAGCTCTGATCTGGACCCGGGGAGACTCTGATTACTACCTGGATGAAAAGGGCCCGAGTTTCCATGCGACGGGCTCACGGC 935
 234 R V N G E L L D L D P G Q T L I Y Y V D E K A P E F S H Q G L T A
 TGGGGATGAGCCGGCTGATTTCTGATCTGGCTGAGGAGGAGGATGAGGAGGATGAGGAGGATGAGGAGGATGAGGAGGATGAGGAGGATGAGGAGG 1035
 267 G T I A V I V V V V L A V I A G I V V L V I S T R K R S A K Y E K
 GCTGAGATAAGGAGATGGTGGAGATACACAGAGGCTCAATGCCCTAACCAACCATGGCTGCTGACTGGAGGAGGAGGACCCGAGCGAACGGAAATGGCG 1135
 300 A E I K E M G E I H R E L N A
 AGAGACTCAGGTTGCAACCGGATAGACCTGGGGAGGATGGAGACCTTTCGGGGTCACTGCTTGTAGCTGACTGGAGGAGGAGGACCCGAGCGAACGG 1235
 GTACTCATATAACAGCAGCTTGACATTGGCAAAAAAAGG 1293

B



C

Ag2160 1 -----MAPPKA-LAFGLLLAVVTATLAAAKQKDCVCNNYKLTSRCYENEGECQCTSYGTQNTVICS KLASKCLVM
 mEGP -----MAGPOA-LAFGLLLAVVTATLAAQRDVCVDNYKLATSCSLNEGEQCTSYGTQNTVICS KLASKCLAM
 hEGP-2 -----MAPPOV-LAFGLLLAAAATATFAAAQQEECVCENYKLAVNCVNNNRQCQCTSGAQN TIVICS KLAACCLVM
 hEGP-1 MARGPGLAPPPLRLPLLLLVLAAVITGTTAAQDNCTCPTNKMTCVCSPDGP GCGRCQCRA LGSMAVDCSTLT SKCLL
 100 KAEMTHSKSGRR-MKP-EQAIQNNDGLYDPCECDQEGLFKAKQCN GTATCWCVN TAGVRRTDK-DTEITC SERVRY
 KAEMTHSKSGRR-IKP-EQ-IQNNNDGLYDPDCDEQGLFKAKQCN GTATCWCVN TAGVRRTDK-DTEITC SERVRY
 KAEMNGSKLGR-AKP-EQALQNNNDGLYDPDCDESGLFKAKQCN GTATCWCVN TAGVRRTDK-DTEITC SERVRY
 KARMSAPKNARTLVRPSEHALVDNDGLYDPDCDPEGRFKARQCN QTSVCWCVN SVGVRRTDKGDLSLRC DDLV RTH
 200 WIIIELKHKERAQPYNFESLH-TALQDTFASRYMLNPFIKSIMYENNVITIDL MONSSOKTQDDV IADVAYYFEK
 WIIIELKHKEKRESPYDHQSLSQTALQEAFTSRYKLQNKFIKNIMYENNVITIDL MQNQSSQKTQDDV IADVAYYFEK
 WIIIELKHKEKRPYDSKSRLTAQKEITTRYQLDFKITSILYENNVITIDL VQNSSSOKTQDDV IADVAYYFEK
 HILIDLHRHRTAGAFNHSDLDAELRLRFRERYRLHPKFVAAVHYEQPTIQIELRQNTSQAAGE DIGDAA YYFER
 300 DVKGESLPHFSSKSMDLRVNGELLDLDPGQTLIYYVDEKAPEFSMQLTAGI LAVI VVWLA VIAGIVV LVI STRK
 DVKGESLPHFSSKSMDLRVNGEPLDLPGQTLIYYVDEKAPEFSMQLTAGI LAVI VVWLA VIAGIVV LVI STRK
 DVKGESLPH-SKKMDLT VNGEQLDLPGQTLIYYVDEKAPEFSMQLKAGVIA VVWMAVAGIVV LVI STRK
 DIKGESLHFQGRGGLDLVRGEPLQVE--RTL IYYLDEIPP KFSM KRLTAGI LAVI VVWVALVAGM A VVIT NRRK
 325 SAKYKAEIKE MGEI HRE LNA
 SAKYKAEIKE MGEI HRE LNA
 MAKYKAEIKE MGE MHE LNA
 SGKYKVKIE KELGELRK EPL

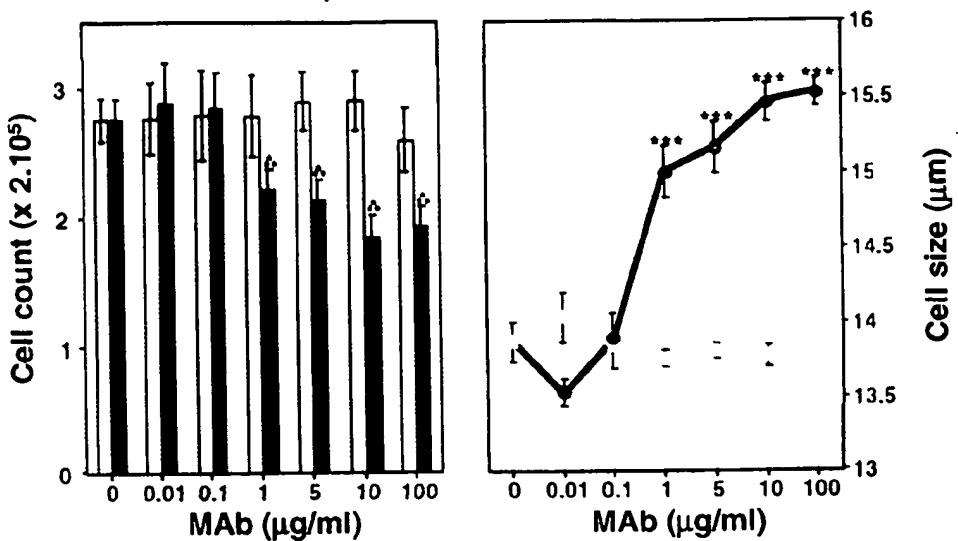
D

Pancreas
Kidney
Skeletal muscle
Liver
Lung
Placenta
Brain
Heart
Spleen
Thymus
Prostate
Testis
Ovary
Small Intestine
Colon
Leukocyte
Stomach
Thyroid
Spinal Cord
Lymph Node
Trachea
Adrenal Gland
Bone Marrow

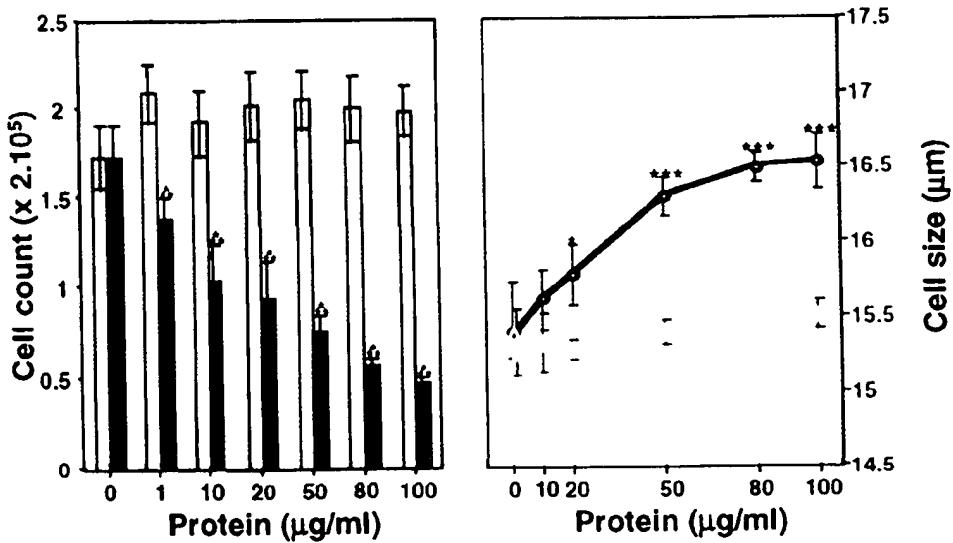
- 2.4 kb
- 1.35 kb

Figure 6

A



B



C

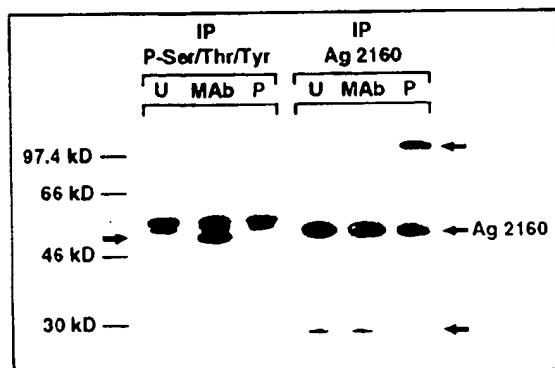


Figure 7

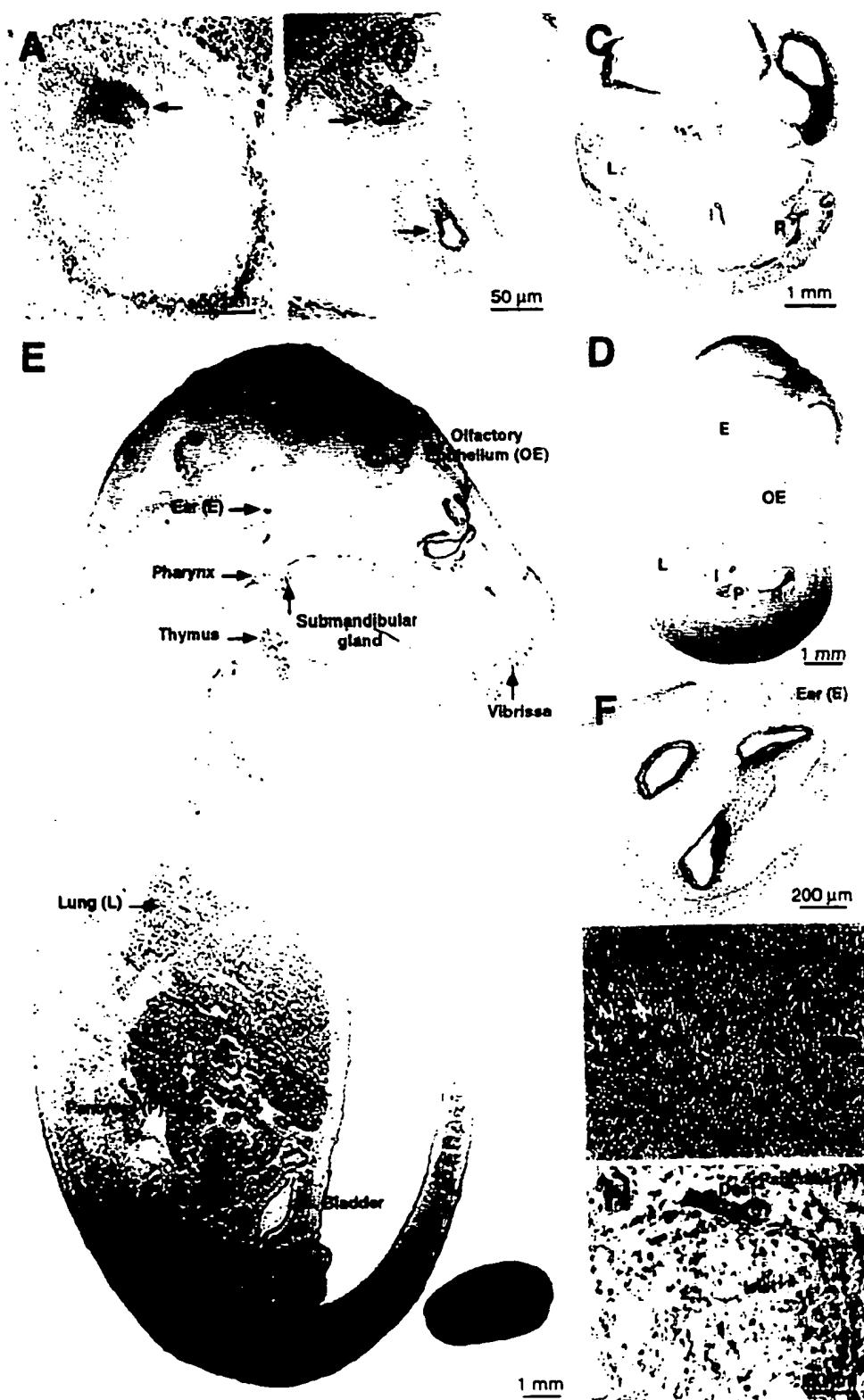


Figure 8

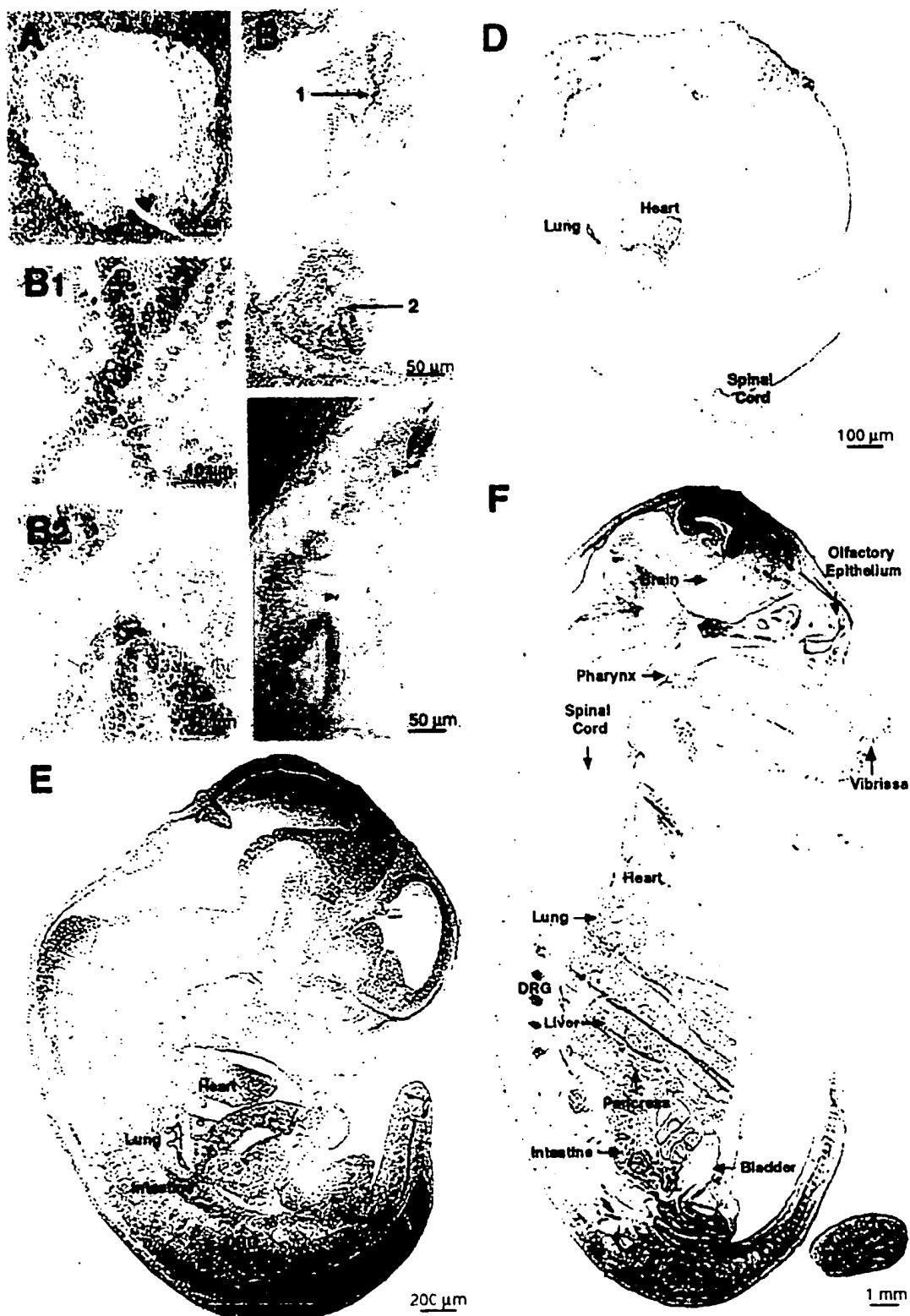


Figure 9

FIGURE 10

CACCTCGTTCTATCGATTGGAATTGGGCCACACTGGCCGGATCCTCTAGAGATCCCTG
 GACCTCGACCCACCGTCCGCTTGTCTTCTATCCTCTCTTGCAAGAAGAAACTCTCGAGACAGCAGCCAAA
 AAGAAACCGCTCACCTTGACAGACTACTGAACGCTCTCTGGATAAGAGGGTCGCCGCTTGGAGTAGCAGCCAA
 AGACGCTGAGGGAGGGTGTGGAGGGGGAGGGAGGTGCGGGTTCGGGTGGAGAAAGTTGGCTGTGCAAGACCC
 GACGGCGCAGCGCACAGCGCCGGGGATCGTGTCTTGGAAAAAAAGTCGCTGTCCCCCTAAAGCGAGACCACAA
 GCGAGCGGCCCCGTGGCCGGGAGCAGCCTCTGCGCTGGACTTGTGGCTTCTAGGAGGAGAAT

1 ATGGCATCTAAAGGGTCCCCTTGTGGCTCTGGTTCTGCCTCTTGATCTCCGGCGGTCTCTAGACCCAGGCTCGG
 M--A--S--K--P--S--C--R--L--V--F--C--L--I--S--A--A--V--L--R--P--G--L--G-- 27
 81 ATGGTACACTGTCACATCGAGATACGGAGATACCATTTGTCATGCCCTGAGACTGGATGTCAGAACCTCATGTTG
 -W--Y--T--M--P--C--R--L--D--V--P--Q--N--L--M--F--G 54
 161 GCAAATGGAATATGAAAAGCTGATGGGCTCCAGTATTATGCAATTGAGATCTTACAAAGAAAAGTGTGAGTAT
 --K--W--K--Y--E--K--P--D--G--S--P--V--F--I--A--F--R--S--S--T--K--K--S--V--Q--Y-- 81
 241 GATGATGTACAGAGTACAAGGACAGACTGAGGCTCTCAGAAAACACTACACTGTCATCAACATGCAAGATGTA
 D--D--V--P--E--Y--K--D--R--L--S--I--S--E--N--A--K--I--S--D-- 108
 321 CGAAAAGAGATTGTGTGTCATGCTAGTGACCGAGGACAACGTGTTGAGGACCTTACCTGGTCAGGTGTTCAAGCAAC
 -E--K--R--F--V--C--M--L--V--T--E--D--N--V--F--E--A--P--T--L--V--K--V--F--K--Q--P 135
 401 CATCTAACCTGAAATTGTAACAGACAGCAGCTTCTTGAACAGACGACTAAAAGTTAGGTGACTGCATTCAAGA
 --S--K--P--E--I--V--N--R--A--F--L--E--Q--L--K--L--G--D--C--I--S--R-- 162
 481 GACAGTTACCCAGACGGCAACATCACCTGGTAGGAATGGGAAGTGCATACGCTGTTGATGGAGAGGTGTCATACT
 D--S--Y--P--D--G--N--I--T--W--Y--R--N--G--K--V--L--Q--P--V--D--G--E--V--S--I--L-- 189
 561 TTTTAAAGAGAAATTGATCAGGACTACTGTTACCATGACTTCCCTCTGGAGTACAAGACAACCAAGTGTGACA
 -P--K--K--I--D--T--G--T--Q--V--L--P--P--E--A--I--K--E--G--D--N--I--T-- 216
 641 TACAAATGCCATTACCTCTTGTGACATATTATGGACCTGGGGCAGAAAACAAATTATTCGAACAACTT
 --Q--M--P--F--T--C--S--V--T--Y--G--P--S--G--Q--K--T--I--Y--S--E--Q--A--I--P-- 243
 721 GATATTACTACCTACAGAGCAGGTGACAATACAAGTACTGCCACAAAATGCCATCAAAGAAGGGGACAACATCAC
 D--I--Y--Y--P--T--E--Q--V--L--P--P--K--N--A--I--K--E--G--D--N--I--T-- 270
 801 CCTTCAGTGTCTGGGAATGCCACCCACCTCTTGAGGAGTTCATGTTTACTTACCAAGGGCAGGCTGAAGGCATAAGAA
 -L--Q--C--L--G--N--P--P--P--E--E--F--M--F--Y--L--P--G--Q--A--E--G--I--R--S 297
 881 GCTCAAAACACTTACACACTGACAGCTGAGGCCAATGCCACGGGACTACAAATGTTCTCATGACCAAGAAC
 --S--N--T--Y--T--L--T--D--V--R--R--N--A--T--G--D--Y--K--C--S--L--I--D--Q--R--N-- 324
 961 ATGGCAGTCAACAAACATCACTGTCACTACTTGGATTATCCTAAACCAAGTGGGAAGTGACCAAGCAGATCGG
 M--A--A--S--T--I--T--V--H--L--D--L--P--S--G--E--V--T--K--Q--I--G-- 351
 1041 TGATACCTGGCTGTCTTGACAAATATGCAAGTAGGAATGCAACTGTGTTGTGGATGAAGGATAACATCAGGCTCC
 --D--T--L--P--V--S--C--T--I--S--A--S--R--N--A--T--V--V--W--M--K--D--N--I--R--L--R 378
 1121 GATCTAGTCATCTTCTAGTCTTCTAGGATGCTGGAACTATGTCGTGAAACTGCTCTCAGGAGTTGAG
 --S--S--P--S--F--S--P--Y--I--N--G--R--Y--S--K--I--I--I--S--P--E--E--N-- 405
 1201 GGACTGAAGAAAAGGGAGTCGCTGACCCCTCATGAGAAGGAAACCTCAAAATGACAAGAAAAGTGTGCCAG
 G--L--K--K--R--E--S--L--T--L--I--V--E--G--K--P--Q--I--K--M--T--K--K--T--D--P--S-- 432
 1281 TGGACTGTCTAAAGACTATACTGCCATGTGGAAGGGTTTCCAAGGCCAGCTATCAGTGGACCATACGGCAGTGGAA
 -G--L--S--K--T--I--I--C--H--V--E--G--P--P--K--P--A--I--Q--W--T--I--T--G--S--G--S 459
 1361 GCGTCATAAAACAAACAGAGGAGTCTCTTATTAATGGCAGGTATTATGAAAATTATCATTCCCTGAGGAGAAT
 --V--I--N--Q--T--E--E--S--P--Y--I--N--G--R--Y--S--K--I--I--I--S--P--E--E--N-- 486
 1441 GTTACATTAACCTGACAGCAGAAAACCAACTGGAGAGAACAGTAACCTGGCTGAATGTCCTGCGATAAGTATTCCAGA
 V--T--L--T--C--T--A--E--N--Q--L--E--R--T--V--N--S--L--N--V--S--A--I--S--I--P--E-- 513
 1521 ACACGATGAGGGAGACCATATAAGTGATGAAAATAGAGAAAAGGTGAATGCCAGGCCAAACTAATTGTCGGCATGTGG
 -H--D--E--A--D--D--I--S--D--E--N--R--E--K--V--N--D--Q--A--K--L--I--V--G--I--V--V 540
 1601 TTGGCTCTCCCTCGCGCCCTCGTGCCTGGGTCTCGTCACTGGCTGTACATGAGAAATGCAAAACAT
 --G--L--L--A--A--L--V--A--G--V--V--Y--W--L--Y--M--K--K--S--K--T--A--S--K--H-- 567
 1681 GCAAAAAAAAAAAAAAAAGGGGGCGCGAC
 A--K--K--K--K--K--K--K--G--R--D

FIGURE 11